

УДК 004.94

ПРИМЕНЕНИЕ КЛЕТОЧНЫХ АВТОМАТОВ ДЛЯ МОДЕЛИРОВАНИЯ ПРОСТРАНСТВЕННОГО РАСПРОСТРАНЕНИЯ ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКИХ ЗАБОЛЕВАНИЙ

М.М. Башабшех, А.В. Скворцов, Б.И. Масленников

В работе рассматриваются две различные модели: совмещение вероятностных клеточных автоматов и компартментных моделей для прогнозной оценки пространственного распространения эпидемиологических заболеваний. Они позволили исследовать динамику развития эпидемии, а также зависимость ее продолжительности, количества переболевших особей и других показателей от параметров популяции, характеризующих использование профилактических мер и интенсивность контактов особей друг с другом. Как показали результаты исследования, различные способы моделирования близки друг к другу. В настоящее время широкое распространение получило использование компартментных моделей. При этом сообщество, в котором протекает эпидемия, делится на несколько групп (компартментов) на основе значений характеристик, важных с эпидемиологической точки зрения [1].

В одной из первых моделей эпидемии описаны три группы населения: восприимчивые к заболеванию (Susceptible); зараженные, инфицированные, восприимчивые (Infectious) и выздоровевшие, получивших долговременный иммунитет (Recovered). Эпидемиологическая ситуация соответствует классической SIR-модели. Существуют стохастические компартментные модели распространения эпидемии в условиях реализации мероприятий по активному выявлению заболевших, позволяющие прогнозировать развитие эпидемического процесса в популяции с учетом пространственного переноса заболевания.

SIR модель эпидемиологического заболевания при наличии устойчивого иммунитета у выздоровевших представлена на рис. 1, где S – число индивидов в компартменте восприимчивых; I – число распространителей инфекции; R – число выздоровевших; α – частота появления новых восприимчивых в популяциями; β – частота инфицирования; γ – частота выздоровления; μ – частота естественный смерти; μ_i – частота смерти от болезни; N – общая численность населения; M – коэффициент скорости миграции; j – число соседей [2] .

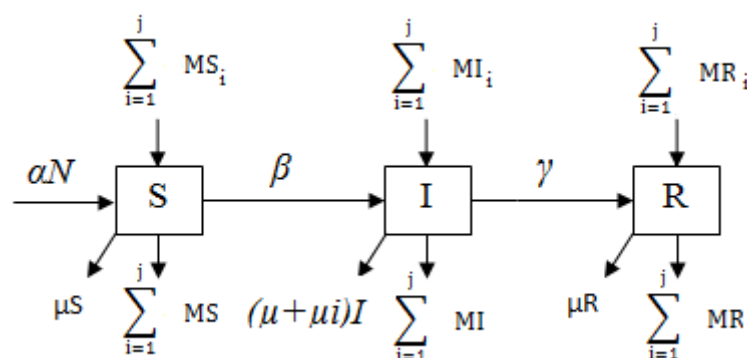


Рис. 1. Компартментная модель эпидемиологического заболевания
при наличии устойчивого иммунитета у выздоровевших

SIR модель (см. рис. 1) задается системой дифференциальных уравнений, для стохастической модели эпидемии, которые имеют вид (при $\Delta t = 1$) [2]:

$$\begin{cases} S_{t+1} = S_t + rb(\alpha; N_t) - rb(\beta I_t; S_t) - rb(\mu; S_t); \\ I_{t+1} = I_t + rb(\beta I_t; S_t) - rb(\gamma; I_t) - rb((\mu + \mu_i); I_t); \\ R_{t+1} = R_t + rb(\gamma; I_t) - rb(\mu; R_t); \\ N_{t+1} = S_{t+1} + I_{t+1} + R_{t+1}; \end{cases} \quad (1)$$

где S_t – количество восприимчивых особей в популяции в момент времени t , I_t – число зараженных особей в популяции в момент времени t , R_t – количество восстановленных особей в популяции в момент времени t . rb – оператор задания случайной величины в соответствии с биномиальным законом распределения.

Если

$$rb = \text{Randbinom}(p; n),$$

то p – число интенсивность, вероятность успеха; n – число испытаний.

Клеточные автоматы (КА) являются дискретными динамическими системами, представляющими собой совокупность одинаковых клеток, одинаковым образом соединенных между собой. Все клетки образуют так называемую решетку клеточного автомата. Решетки могут быть разных типов, отличаться как по размерности, так и по форме клеток. Каждая клетка является конечным автоматом, состояние которого определяется состояниями соседних клеток и, возможно, ее собственным состоянием. Необходимо отметить, что в клеточных автоматах как моделях вычислений не рассматриваются входные и выходные воздействия. При аппаратной реализации клеточные автоматы обычно называют однородными структурами. Клетки могут располагаться на одномерной прямой, плоскости или в многомерном пространстве. Каждая клетка имеет заданное количество «соседей», определяемое постановкой задачи, и может находиться в одном из нескольких состояний. Соседи устанавливаются или по наличию общих границ у клеток, или с помощью графа. Время в такой системе изменяется дискретно, такт за тактом. Состояние клетки в следующий момент времени задается как функция от ее собственного состояния и состояний соседей в текущий момент времени. Вид этой функции определяет поведение клеточного автомата. Клеточные автоматы дают полезные модели для многих исследований в естественных науках [3].

Модель миграции (Migration) представляет популяцию как множество популяций, каждая из которых обрабатывается отдельным процессором. Эти популяции развиваются независимо друг от друга в течение одинакового количества поколений T (время изоляции). По истечении времени изоляции происходит обмен особями между популяциями (миграция). Количество особей, подвергшихся обмену (вероятность миграции), схема миграции и метод отбора особей для нее определяют частоту возникновения генетического многообразия в популяциях и обмен информацией между ними.

При моделировании миграционных потоков и перемешивания популяции на основе клеточных автоматов между ее элементами, которые соответствуют ячейкам, происходит миграция. Отбор особей для миграции может происходить следующим образом (допущение): интенсивность миграции постоянна для всей популяции. Миграция происходит из всех групп равномерно [4].

Для решения системы (1) используются рекуррентные соотношения (при $\Delta t = 1$) вида [2, 4]:

$$\begin{cases} S_{t+1} = S_t + rb(\alpha; N_t) - rb(\beta I_t; S_t) - rb(\mu; S_t) + rb(M; S_t^i) - rb(M; S_t); \\ I_{t+1} = I_t + rb(\beta I_t; S_t) - rb(\gamma; I_t) - rb((\mu + \mu_i); I_t) + rb(M; I_t^i) - rb(M; I_t); \\ R_{t+1} = R_t + rb(\gamma; I_t) - rb(\mu; R_t) + rb(M; R_t^i) - rb(M; R_t); \end{cases} \quad (2)$$

Чтобы сравнить одну ячейку с другой, при моделировании с помощью совмещения вероятностным клеточным автоматом и компартментных моделей SIR-модели для прогнозной оценки пространственного распространения эпидемиологических заболеваний, нами проведен ряд экспериментов (для выполнения этой задачи используется программа gnumeric spreadsheet [5]).

Для получения результатов при моделировании SIR модели эпидемиологического заболевания нами приняты следующие значения параметров системы (2): $\alpha = 0,02$; $\beta = 0,0005$; $\gamma = 0,04$; $\mu = 0,01$; $\mu_i = 0,03$; $M = 0,1$. Начальные условия $S(0) = 1\ 000$, $R(0) = 0$ не изменяются во всех экспериментах.

Рассмотрено влияние начального количества распространителей инфекции ($I(0)$) на общую картину развития заболевания: $I(1) = 25$, $I(2,3,4) = 0$. Решения найдены на интервале времени $[0,100]$. Результаты вычислений представлены на рис. 2.

Следует отметить, что влияние начального количества распространителей инфекции $I(1)$ на остальные ячейки $I(2,3,4)$ происходит через влияние коэффициента скорости миграции.

Результаты исследований приведены в табл. 1, для сравнения каждой ячейки с остальными рассматриваются 5 реализаций в каждой ячейке в момент времени $t = 80$ при различных значениях $I(0)$.

В сравнительном анализе использование средних оценок является основным инструментом для сравнения результатов.

Средние оценки из табл. 1

$$S'(t = 80), I'(t = 80), R'(t = 80), N'(t = 80),$$

для каждой ячейки при вариации $I(0)$ приведены в табл. 2.

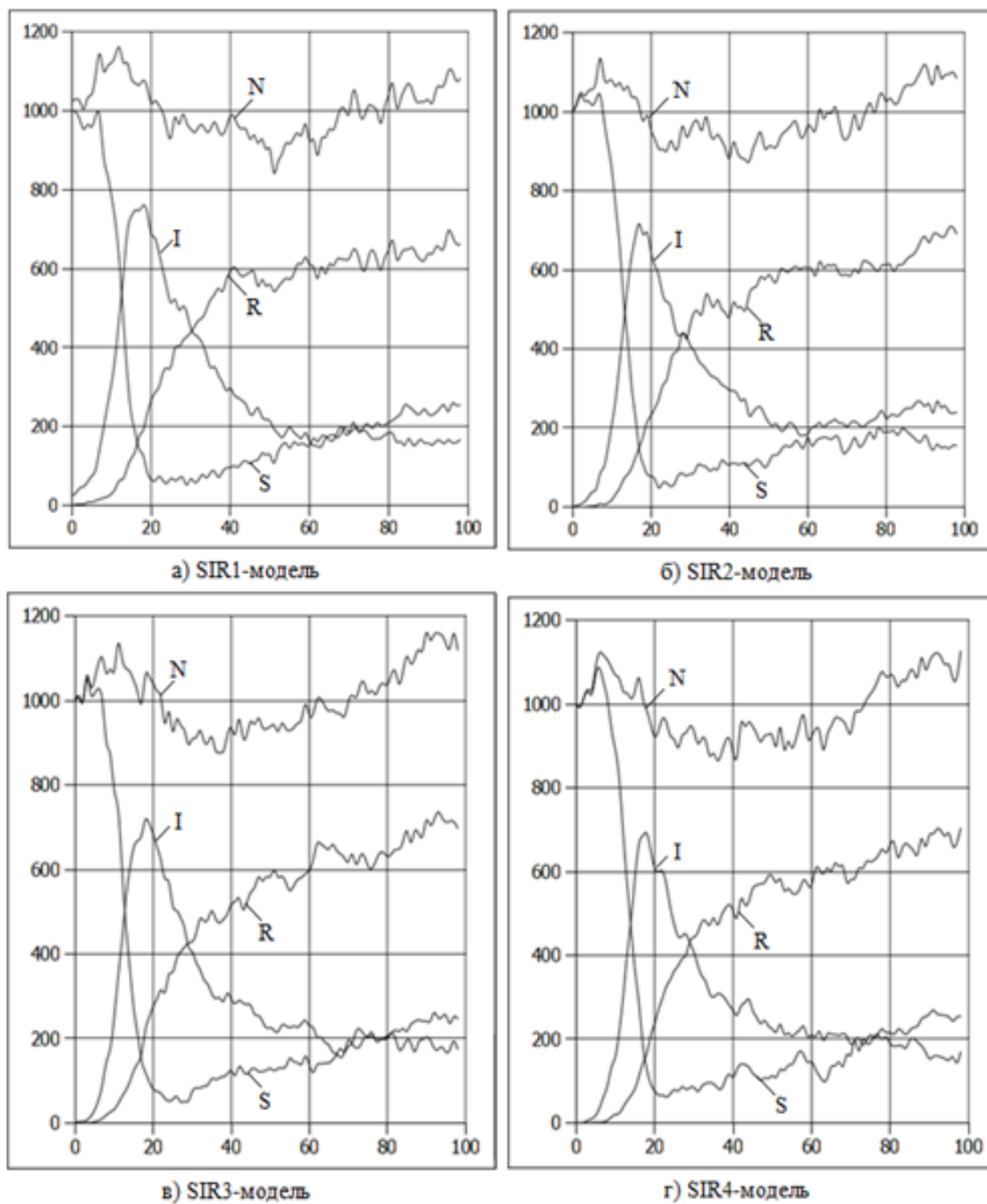


Рис. 2. Результаты вычислительного эксперимента в стохастической SIR модели при вариации $I(0)$

Таблица 1

Реализации в каждой ячейке в момент времени $t = 80$

при различных значениях $I(0)$

$t = 0$	j	$t = 80$			
$I(0)$		S	I	R	N
25	1	183	211	648	1 042
	2	188	298	785	1 271
	3	202	211	567	980
	4	208	206	645	1 059
	5	144	207	588	939
0	1	190	224	612	1 026
	2	220	204	517	941
	3	183	196	695	1 074
	4	188	260	657	1 105
	5	182	270	693	1 145
0	1	200	206	631	1 037
	2	157	252	737	1 146
	3	147	230	630	1 007
	4	157	262	722	1 141
	5	175	223	658	1 056
0	1	189	216	664	1 069
	2	175	232	696	1 103
	3	150	246	667	1 063
	4	187	175	728	1 090
	5	157	236	664	1 057

Таблица 2

Сравнительные оценки для каждой ячейки при вариации $I(0)$

$t = 0$	$t = 80$			
$I(0)$	S'	I'	R'	N'
25	185	227	647	1 058
0	193	231	635	1 058
0	167	235	676	1 077
0	172	221	684	1 076

Таким образом, в результате исследований сравнительный анализ для прогнозной оценки пространственного распространения эпидемиологических заболеваний показал, что все клетки приобретают признаки друг от друга (состояние жителя), под воздействием коэффициента миграции, это приводит к тому, что коэффициент миграции оказывает значительное влияние на передачу инфекции соседям и ее распределение. Особенностью клеточных автоматов является способность их элементов к пространственному перемещению и применение понятия состояния к новому положению.

Библиографический список

1. Масленников, Б.И. Математическое обеспечение информационно-аналитической медицинской системы, программные продукты и системы / Б.И. Масленников, А.В. Скворцов // Международное научно-практическое приложение к международному журналу «Проблемы теории и практики управления». 2008. С. 158–160.

2. Советов, Б.Я. Моделирование систем: учеб. для вузов/ Б.Я Советов, С.А. Яковлев. 3-е изд., перераб. и доп. М.: Высш. шк., 2001. 343 с.
3. Варшавский, В.И. Однородные структуры / В.И. Варшавский, В.Б. Мараховский, В.А. Песчанский. М. 1973.
4. Каток, А.Б. Перемешивание (динамические системы), введение в современную теорию динамических систем / А.Б. Каток, Б. Хасселблат.
5. Gnumeric – 10.03.2008. [электронный ресурс] / [Ron White](#). Режим доступа: <http://www.pcworld.com/article/232785/gnumeric.html>.